

学校编码: 10384

分类号\_\_\_\_\_密级\_\_\_\_\_

学号: 21720081152555

UDC \_\_\_\_\_

廈門大學

碩 士 学 位 论 文

基于核基因的 18 种鹭科鸟类

分子系统发育研究

Molecular Phylogeny of 18 Ardeids Based on  
Nuclear Sequence Data

作 者 姓 名: 雷 照

指导教师姓名: 陈 美 副教授

专 业 名 称: 遗传学

论文提交日期: 2010 年 5 月

论文答辩时间: 2010 年 6 月

学位授予日期:

答辩委员会主席: \_\_\_\_\_

评 阅 人: \_\_\_\_\_

2010 年 4 月

## 厦门大学学位论文原创性声明

本人呈交的学位论文是本人在导师指导下,独立完成的研究成果。本人在论文写作中参考其他个人或集体已经发表的研究成果,均在文中以适当方式明确标明,并符合法律规范和《厦门大学研究生学术活动规范(试行)》。

另外,该学位论文为( )课题(组)的研究成果,获得( )课题(组)经费或实验室的资助,在( )实验室完成。(请在以上括号内填写课题或课题组负责人或实验室名称,未有此项声明内容的,可以不作特别声明。)

声明人(签名):

年 月 日

## 厦门大学学位论文著作权使用声明

本人同意厦门大学根据《中华人民共和国学位条例暂行实施办法》等规定保留和使用此学位论文，并向主管部门或其指定机构送交学位论文（包括纸质版和电子版），允许学位论文进入厦门大学图书馆及其数据库被查阅、借阅。本人同意厦门大学将学位论文加入全国博士、硕士学位论文共建单位数据库进行检索，将学位论文的标题和摘要汇编出版，采用影印、缩印或者其它方式合理复制学位论文。

本学位论文属于：

（        ） 1. 经厦门大学保密委员会审查核定的保密学位论文，于  
年    月    日解密，解密后适用上述授权。

（        ） 2. 不保密，适用上述授权。

（请在以上相应括号内打“√”或填上相应内容。保密学位论文应是已经厦门大学保密委员会审定过的学位论文，未经厦门大学保密委员会审定的学位论文均为公开学位论文。此声明栏不填写的，默认为公开学位论文，均适用上述授权。）

声明人（签名）：

年    月    日

厦门大学博硕士论文摘要库

## 目 录

摘 要	I
Abstract	III
第一章 前言	1
1.1 分子系统发育研究概况及应用	1
1.1.1 分子系统发育研究的产生及发展	1
1.1.2 分子系统发育研究方法及应用	2
1.1.3 常用的系统发生树重建方法	5
1.2 鹭科鸟类简介及其系统发育学研究进展	7
1.2.1 鹭科鸟类简介	7
1.2.2 鹭科鸟类的系统发育研究进展	8
1.3 核基因在鸟类分子系统发育研究中的应用	14
1.3.1 核基因和线粒体基因在系统关系研究中的比较	14
1.3.2 常用在鸟类分子系统发育研究中的核基因	15
1.3.3 核基因在鸟类系统发育研究中的发展趋势	17
1.4 本研究的目的和意义	18
第二章 材料与方法	19
2.1 仪器与试剂	19
2.1.1 仪器设备	19
2.1.2 主要试剂	19
2.2 样品采集	19
2.3 基于核基因的鹭科鸟类系统发育研究试验方法	20
2.3.1 总 DNA 的提取	20
2.3.2 基因扩增及测序	22
2.4 五种核基因序列数据的处理与分析	25

<b>第三章 结果与分析</b> .....	27
3.1 五种核基因序列分别分析 18 种鹭科鸟类分子系统发育研究结果.....	27
3.1.1 PCR 扩增和测序结果.....	27
3.1.2 碱基组成分析.....	29
3.1.3 不同核基因的变异比较.....	29
3.1.4 碱基替换情况.....	30
3.1.5 遗传距离及饱和分析.....	31
3.1.6 分子系统树的构建和分析.....	38
3.2 五种核基因序列合并分析 18 种鹭科鸟类分子系统发育研究结果.....	47
3.2.1 区分同源性测试.....	47
3.2.2 物种间核基因合并后的序列差异.....	47
3.2.3 核基因合并序列的系统发生分析.....	48
<b>第四章 讨论</b> .....	51
4.1 鹭科鸟类五种核基因的序列特征.....	51
4.2 建树情况的比较.....	51
4.3 鹭科鸟类之间的系统发育关系.....	52
4.3.1 鹭科鸟类亚科的划分.....	52
4.3.2 鹭科鸟类的种属关系.....	53
<b>第五章 结论与创新</b> .....	56
5.1 结论.....	56
5.2 创新点.....	56
5.3 展望.....	57
<b>参考文献</b> .....	58
<b>致谢</b> .....	71

## Contents

<b>Abstract in Chinese</b> .....	I
<b>Abstract in English</b> .....	III
<b>Chapter 1 Introduction</b> .....	1
<b>1.1 Research Progress and Application of Molecular Phylogeny</b> .....	1
1.1.1 Generation and Development of Molecular Phylogeny .....	1
1.1.2 Research Methods and Application of Molecular Phylogeny .....	2
1.1.3 Methods of Phylogeny Reconstruction in Common Use .....	5
<b>1.2 Introduction and Progresses in Phylogenetics of Ardeidae</b> .....	7
1.2.1 Introduction of Ardeidae .....	7
1.2.2 Progresses in Phylogenetics of Ardeidae .....	8
<b>1.3 Application of Nuclear Genes in Avian Molecular Phylogenetics</b> .....	14
1.3.1 Comparison of Nuclear Gene and Mitochondria Gene in Phylogenetics ....	14
1.3.2 Nuclear Genes Commonly Used in Avian Molecular Phylogenetics .....	15
1.3.3 The Trend of Nuclear Genes in Avian Molecular Phylogenetics .....	17
<b>1.4 Purpose and Significance of Present Study</b> .....	18
<b>Chapter 2 Materials and Methods</b> .....	19
<b>2.1 Instruments and Reagents</b> .....	19
2.1.1 Instruments and Equipments .....	19
2.1.2 Main Reagents .....	19
<b>2.2 Samples</b> .....	19
<b>2.3 Methods</b> .....	20
2.3.1 DNA Extraction .....	20
2.3.2 DNA Amplify and Sequencing .....	22
<b>2.4 Data Processing and Analysis</b> .....	25

<b>Chapter 3 Results and Analysis</b> .....	27
<b>3.1 Results of Molecular Phylogeny of 18 Ardeids Based on Independent Analysis of the Five Nuclear Genes</b> .....	27
3.1.1 PCR Amplification and Sequencing .....	27
3.1.2 Analysis of Base Composition .....	29
3.1.3 Analysis of the Variability of Nuclear genes .....	29
3.1.4 Base Substitution .....	30
3.1.5 Analysis of Pairwise sequence Divergence and Saturation .....	30
3.1.6 Reconstruction and Analysis of Phylogenetic Trees .....	38
<b>3.2 Results of Molecular Phylogeny of 18 Ardeids Based on Combined Analysis of the Five Nuclear Genes</b> .....	47
3.2.1 Partition Homogeneity Test .....	47
3.2.2 Sequence Differences of Combined Nuclear Genes .....	47
3.2.3 Phylogenetic Analysis of Combined Nuclear Genes .....	48
<b>Chapter 4 Discussion</b> .....	51
<b>4.1 Characteristics of the 5 Nuclear Gene Sequences in Ardeids</b> .....	51
<b>4.2 Comparisons of Different Methods of Phylogeny Reconstruction</b> .....	51
<b>4.3 Phylogenetic Relationships among Ardeidae</b> .....	52
4.3.1 Define of Subfamily of Ardeidae .....	52
4.3.2 Phylogenetic Relationships among Ardeidae .....	53
<b>Chapter 5 Conclusion and New Insights</b> .....	56
<b>5.1 Conclusion</b> .....	56
<b>5.2 Improvement and New Insights</b> .....	56
<b>5.3 Perspective</b> .....	57
<b>Reference</b> .....	58
<b>Acknowledgement</b> .....	71



## 摘要

本研究通过对中国分布的鸛形目(Ciconiiformes)鹭科(Ardeidae)18 种鸟类(苍鹭 *Ardea cinerea*、草鹭 *A. purpurea*、白鹭 *Egretta garzetta*、黄嘴白鹭 *E. eulophotes*、岩鹭 *E. sacra*、大白鹭 *E. alba*、中白鹭 *E. intermedia*、牛背鹭 *Bubulcus ibis*、池鹭 *Ardeola bacchus*、绿鹭 *Butorides striatus*、夜鹭 *Nycticorax nycticorax*、黑冠鵙 *Gorsachius melanolophus*、海南鵙 *G. magnificus*、大麻鵙 *Botaurus stellaris*、黄苇鵙 *Ixobrychus sinensis*、黑苇鵙 *I. flavicollis*、紫背苇鵙 *I. eurhythmus*、栗苇鵙 *I. cinnamomeus*)的五种核基因—— $\beta$  纤维蛋白原基因内含子 7(Fib)、肌红蛋白基因内含子 II(myo)、重组激活基因 1(RAG)、癌基因(c-mos)和原癌基因(c-myc)——进行了测定,并从 GenBank 获得鲸头鸛(*Balaeniceps rex*)序列作为外群,利用不同的建树方法对这五种核基因的单独及合并序列进行了系统发生树的重建,探讨 18 种鹭科鸟类之间的系统进化关系,为这些物种的分类提供核基因方面的证据。

实验测得的序列长度分别为 Fib 基因 1000 bp、myo 基因 700 bp、RAG 基因 1080 bp、c-myc 基因 500 bp、c-mos 基因 610 bp 左右。序列比对结果显示 Fib、myo、RAG、c-mos 及 c-myc 基因的变异位点分别为 259、154、125、84 和 40 个,简约信息位点为 106、65、39、38 及 16 个。

采用邻接法、最大似然法、最大简约法和贝叶斯法分别及合并构建了核基因五组数据集的分子系统发生树。结果显示,18 种鹭科鸟类在系统发育过程中较早地聚为 2 支,分别代表了鵙类和鹭类两个支系:其中一支由紫背苇鵙、栗苇鵙、黑苇鵙、黄苇鵙和大麻鵙组成,而另一支由其余的 13 种构成。并且在鹭类分支中,夜鹭与其它支系为平行进化关系,因此本研究不支持 Panye 和 Pislely 将夜鹭作为夜鹭亚科的观点。

进一步分析表明,白鹭属的白鹭、黄嘴白鹭和岩鹭亲缘关系较近,为一个单系群,这与三者都归属于白鹭属的分类观点一致。由于缺少白鹭属其他物种的样本,对于岩鹭在白鹭属中的系统发生位置以及白鹭属中各个物种之间的系统关系还需进一步研究。

牛背鹭、中白鹭和大白鹭与鹭属之间的关系更近,与苍鹭和草鹭形成一个单系群。其中大白鹭和中白鹭之间的系统发生关系较近,而用不同建树方法构建的

系统树所表现出来的牛背鹭、苍鹭、草鹭之间的系统发生关系有所差异。

另外，池鹭和绿鹭互为姐妹群，但其与鹭属和白鹭属的系统发育关系在不同的系统树中的表现有所不同。

同属于夜鹭属的黑冠鹭和海南鹭与鹭亚科的其他分支多为平行进化的关系，表明二者之间的系统关系并不一定比它们各自和其他鹭类之间的系统关系更近，因此夜鹭属是否独立为一个属的分类观点还有待进一步研究。

不同的系统树都表明鹭类为一个单系群，分化成麻鹭属和苇鹭属两支。其中，紫背苇鹭和栗苇鹭的系统关系更近，但苇鹭属中更明确的系统关系还需补充相关物种进行深入研究。支持将黑苇鹭置于苇鹭属而非独立为黑鹭属的观点。

关键词：鹭科鸟类；系统发育学；核基因

## Abstract

This study investigated the molecular phylogeny among 18 species of Ardeidae (Aves: Ciconiiformes) (Grey Heron *Ardea cinerea*, Purple Heron *A. purpurea*, Little Egret *Egretta garzetta*, Chinese Egret *E. eulophotes*, Pacific Reef- Egret *E. sacra*, Great Egret *E. alba*, Intermediate Egret *E. intermedia*, Cattle Egret *Bubulcus ibis*, Chinese Pond-Heron *Ardeola bacchus*, Little Heron *Butorides striatus*, Black-crowned Night Heron *Nycticorax nycticorax*, Malayan Night Heron *Gorsachius melanolophus*, Chinese Night Heron *G. magnificus*, Eurasian Bittern *Botaurus stellaris*, Yellow Bittern *Ixobrychus sinensis*, Black Bittern *I. flavicollis*, Schrenck's Little Bittern *I. eurhythmus*, Cinnamon Bittern *I. cinnamomeus*) based on analysis of the sequences of five nuclear genes— $\beta$ -Fibrinogen intron 7 (Fib), myoglobin intron II (myo), Rhodopsin intron 1 (RAG), oncogene (c-mos) and proto-oncogene (c-myc) whereas the Whale-headed Stork *Balaeniceps rex* was selected as the out-group with the related sequences obtained from GenBank. The phylogenetic trees of the independent and combined analysis of the five nuclear genes were reconstructed following different methods. The phylogenic relationship among this 18 Ardeidae was discussed. These data provided some nuclear evidence for the taxonomy of these species.

The length of the sequences obtained in this study were about: Fib1000 bp, myo 700 bp, RAG 1080 bp, c-mos 500 bp and c-myc 610 bp. The results of alignment of sequences indicated that the variable sites of Fib, myo, RAG, c-mos and c-myc were 259, 154, 125, 84 and 40, respectively, and the parsimony-informative sites were 106, 65, 39, 38 and 16, respectively.

Neighbor-joining (NJ), maximum- parsimony (MP), maximum-likelihood (ML) and Bayesian (BI) methods were used respectively for the reconstruction of phylogenetic tree. The results indicated that the 18 species of herons were grouped into two clades. The first clade, representing the botaurinae, contained Schrenck's Little Bittern, Cinnamon Bittern, Black Bittern, Yellow Bittern and Eurasian Bittern. The second clade representing Ardeinae, contained the other 13 species.

Black-crowned Night Heron was parallel evolved with other species of Ardeinae. Therefore, this study didn't support the classification of Black-crowned Night Heron in a separate subfamily Nycticracinae from Panye and Pisley.

The further analysis showed that Little Egret, Chinese Egret, Pacific Reef-Egret were close genetically, forming a single clade, which supported the view of classifying them into *Egretta*. Due to the limit of our species samples of *Egretta*, further research should be focused on the phylogenic location of the *E. sacra* and on the analysis of phylogenic relationship of among species in *Egretta*.

While the Cattle Egret, Intermediate Egret and Great Egret were close to *Ardea*, which formed a monophyletic with Grey Heron and Purple Heron. The phylogenic relationship of Great Egret and Intermediate Egret was close. Different phylogenetic trees showed different relationship among Cattle Egret, Grey Heron and Purple Heron.

In addition, Chinese Pond-Heron was sister to Little Heron. However, phylogenic relationship among these two species, *Egretta* and *Ardea* showed different in different phylogenetic trees.

Malayan Night Heron, Chinese Night Heron and some Ardeinae were parallel evolved, showing that it was not undisputed that the relationship between these two species was not closer than that between each of them and other Ardeidaes. Therefore, the view of *Gorsachius* being a single genus needed to be further studied.

The Botaurinae branched into a monophyletic group and then evolved into two clades of *Botaurus* and *Ixobrychus*, which is highly supposed by all the phylogenetic trees in different reconstruction methods. Schrenck's Little Bittern was closer genetically to Cinnamon Bittern. And the phylogetic relationship of the Boraaurinae needed for further research. This study also supported the location of the Black Bittern should be in the genus *Ixobrychus*.

**Key Words:** Ardeidae; Phylogenetics; Nuclear Genes

## 第一章 前言

### 1.1 分子系统发育研究概况及应用

#### 1.1.1 分子系统发育研究的产生及发展

分子系统发育(molecular phylogeny)是指在分子水平上检测、描述并解释物种之间的历史渊源及亲缘关系,即世系传递过程所表现出的全部现象的科学<sup>[1]</sup>。

系统发育(phylogeny)的概念由海克尔于 1860 年提出,其主要任务是研究各分类单元的起源及进化关系。之后,在重建生物系统发育中,德国植物学家齐默尔曼(W. Zimmermann)及昆虫学家亨尼希(W. Henning)分别建立了顶枝学说(Telome Theory)和分支系统学说(Cladistic Systematics),并制定出了一些应用现存生物和生物化石的共同特征进行系统发育分析的客观标准<sup>[2]</sup>。

早期系统发育研究主要是基于形态学、生态学和化石特征等的分析。19 世纪末期开始,血清学方法开始成为分子系统发育研究的主要手段,20 世纪三、四十年代以后采用的仪器测量免疫沉淀反应产物,五十年代的凝胶免疫扩散法及六十年代的免疫电泳、微量补体凝固技术等的应用,都促使血清学方法不断改进,可靠性逐步增加,并在脊椎动物亲缘关系的研究上取得了诸多成果<sup>[3-5]</sup>。

20 世纪 50 年代末到 60 年代初,随着 DNA 结构和遗传功能的阐明,人们逐渐认识到核酸和蛋白质是分子系统发育研究中信息量最大、最有意义的物质。Zuckerkandl 和 Pauling(1965)<sup>[6]</sup>的生物大分子进化分子钟假说以及 Kimuri(1968)<sup>[7]</sup>的分子进化中性学说都是在对几种蛋白质一级结构的比较研究中得出的。与此同时,Hubby 等(1966)<sup>[8]</sup>及 Lewontin 和 Hubby(1966)<sup>[9]</sup>对人类和果蝇自然群体同工酶的电泳研究,证明动物自然群体中存在大量遗传变异。这一系列的研究引发了持续 20 多年的基于等位酶电泳的分子系统发育研究热潮。

60 年代开始,随着计算机硬件和软件的开发,PCR、DNA 测序技术和分子数据处理方法的发展,以及以核酸为研究对象的各种方法的建立,极大地促进了分析系统发育学的发展。核酸(主要是 DNA)作为生物遗传和生长发育的信息源泉,逐渐占据了分子系统发育研究的主导地位,使分子系统发育研究逐渐趋于成熟。

### 1.1.2 分子系统发育研究方法及应用

传统系统发育研究中, 由于存在趋同进化干扰、形态特征信息量不足、连续性化石标本缺乏等客观因素的限制, 许多分类和进化中的疑点无法得到解决, 分子系统发育研究的出现弥补了这些不足。分子系统发育研究首先通过现代分子生物学技术, 获得物种特定遗传标记的大量数据, 然后对这些数据进行相关的数学分析, 从而对研究结果进行解释说明。

分子系统发育中常用的生物大分子是蛋白质和核酸。20 世纪 60~80 年代, 蛋白质的应用达到高潮, 其中以等位酶电泳为主要手段<sup>[10]</sup>, 另外还有蛋白质一级结构和立体结构的分析等。蛋白质分析技术中常用的方法有: 免疫学技术、同工酶电泳、蛋白质电泳、氨基酸分析等。

**表 1-1 常用的核酸分子系统学方法及其应用范围**

**Tab. 1-1 Commonly used methods of nucleic acid molecular systematics and their application**

方法	靶分子	检测的变异类型	应用范围
DNA 杂交技术	基因组单拷贝 DNA	序列总体相似性	系统发育
RFLP	mtRNA 和基因组 DNA 片段	位点和片段长度多态性	系统发育、群体遗传、分类学
RAPD	具反向重复的 DNA 序列	扩增片段的数目及长度多态性	群体水平、分类学
DNAfp	小卫星和微卫星 DNA	重复模块长度和数量多态性	群体水平、分类学
DNA 序列分析	DNA 任何片段	靶序列上所有位点的变异	系统发育、分子进化

来源: 黄原. “分子系统学—原理, 方法及应用”, 1998.

核酸的分子系统发育研究(表 1-1)起始于 20 世纪 70 年代, 最早的是 (G+C)% 含量测定、基因组 DNA-DNA 杂交等粗略方法。DNA 杂交技术的理论基础是 DNA 变性-复性的动力学原理<sup>[10]</sup>。该技术在 20 世纪 80 年代前后曾大规模应用于系统发育研究, 其中最具代表性的是 Sibley 和 Ahlquist<sup>[11]</sup> 的研究工作。他们从 1975 年开始, 对鸟纲做了截至目前为止规模最大的 DNA 杂交研究。针对 1700 多种鸟类, 建立了一套基于 DNA 杂交技术的新的鸟类分类体系, 在全世界产生了很大反响。国内最早使用这一分类体系的是马敬能等<sup>[12]</sup>编著的《中国鸟类

野外手册》。1989年, Krajewski<sup>[13]</sup>也应用DNA杂交技术对现存的15种鹤进行了系统发育研究, 提出了新的分类体系。虽然DNA杂交技术存在许多不足之处, 但是其研究结果还是得到了很多学者的认可, 近年来一些学者利用DNA序列数据研究的结果也验证了DNA杂交技术的有效性<sup>[14, 15]</sup>。

70年代后期, 随着Upholt和David(1977)<sup>[16]</sup>、Levings和Pring(1977)<sup>[17]</sup>、Shah和Langley(1979)<sup>[18]</sup>首先将mtDNA的RFLP技术应用于脊椎和无脊椎动物群体结构的研究中, RFLP开始应用于分子系统发育研究, 并成为整个80年代的研究热点。如Glause<sup>[19]</sup>、Kessler和Avise<sup>[20]</sup>、Shields和Wilson<sup>[21]</sup>等许多学者在研究一些鸟类低级分类阶元上的系统进化关系时都应用了RFLP技术进行分析。RFLP技术的缺点是费时、操作繁琐, 且需要高质高量的DNA, 否则会导致杂交信号过弱或酶切错误, 这使得其在系统发育研究工作中的应用有限。

1990年发展起来的RAPD技术在检测DNA序列多态性时操作相对简单, 并且适用于DNA出现降解或痕量的样品, 因此很快被广泛应用于群体水平上遗传变异检测的研究中。如1994年Haig等<sup>[22]</sup>利用RAPD对红顶啄木鸟(*Picoides borealis*)进行了遗传多样性的研究。Fleischer等<sup>[23]</sup>和Nusser等<sup>[24]</sup>分别利用RAPD研究濒危物种长嘴秧鸡(*Rallus longirostris*)的种群遗传结构和群体遗传变异。国内方面, 吕雪梅等<sup>[25]</sup>探讨了RAPD与杂种优势的相关关系; 刘斌等<sup>[26]</sup>通过对朱鹮的RAPD研究探讨了其亲缘关系, 并对其保护计划提出了建设性意见。

由于RAPD随机引物片段较短, 扩增产物的稳定性和重复性欠佳, 小卫星和微卫星等DNA指纹图谱技术逐渐成为群体水平上的遗传变异和系统关系研究的主要手段。直到现在, 微卫星DNA也仍然是群体水平研究中应用最广泛的分子标记之一。微卫星DNA(microsatellite DNA)又称简单重复序列(Simple Sequence Repeats, SSR), 是由2~5个核苷酸为重复单位组成的长达几十个核苷酸的重复序列, 广泛分布于真核基因组中<sup>[27]</sup>。较早报道鸟类微卫星DNA研究的是Khatib和Soller<sup>[28]</sup>, 他们在1992年的论文中报道了鸡MYHE位点的单核苷酸重复多态性。同期, Crooijmans等<sup>[29]</sup>对于鸡的34个重复单位为(TG)的多态微卫星标记进行了研究。在后来的几年中, 越来越多的学者对鸡的微卫星DNA进行了深入研究。国内张细权等<sup>[30]</sup>在1998年报道了利用微卫星DNA指纹图谱和RAPD对鸡的群体遗传变异进行的研究。在鸟类的社会行为学研究方面,

Hoglund 等(1999)<sup>[31]</sup>通过对黑琴鸟(*Lyrurus tetrix*)的研究提出, 是雄性构成了繁殖群体的遗传结构, 并将这种家族结群行为归结为归家本能(philopatry)。在遗传变异与进化研究方面, Mundy 等(1997)<sup>[32]</sup>通过对呆头伯劳的两个亚种进行微卫星位点研究, 发现了 60% 的遗传变异, 并分析了其变异产生的原因。Grapputo 等<sup>[33]</sup>对比了芦鹀(*Emberiza schoeniclus*)两个亚群利用 Cyt b、ND5 序列差异的研究结果和利用四个微卫星 DNA 位点的研究结果, 认为不同地理种群在形态上的适应进化是 DNA 水平进化的反映。

在众多分子系统发育研究方法中, DNA 序列分析是最有效、最可靠的方法之一。DNA 序列分析是通过比较各类群个体间同源基因或基因片段的核酸序列, 从而构建系统发生树、推断类群间系统发育关系的研究方法。通过 DNA 序列进行分子系统发育研究的方法有以下几个步骤: 首先, 根据所要解决的问题, 选择相关的分类群; 第二, 选择适当的基因或其他 DNA 区域测定序列; 第三, 序列比对; 最后, 通过一定的数学模型构建系统树。

随着近几年测序技术的发展和普及, DNA 序列成为分子系统发育学的研究热点。在目前鸟类分子系统发育研究中, 线粒体 DNA 序列分析应用最为广泛。线粒体基因作为一种分子标记, 由于其具有分子量小, 无间隔序列, 结构简单, 母系遗传, 几乎不发生畸变与重组, 含量丰富且易于提取等特点, 因而被广泛应用于分子系统发育的研究中<sup>[34]</sup>。

在鸟类线粒体 37 个基因中, 常用的有 Cyt b、ND6、16S rRNA、COI 等, 它们常以单个基因或多个基因联合的形式被用于鸟类的分子系统发育研究中。运用单个线粒体基因研究方面, 李庆伟等<sup>[35]</sup>在 2001 年对 4 种隼形目鹰科鸟类 Cyt b 基因的序列差异进行了研究, 结果与化石资料和形态学研究的结果相吻合。陈晓芳等(2003)<sup>[36]</sup>用鸽形目 15 种鸟类的 ND6 基因进行了系统进化研究, 结果显示滕鹑属和斑鹑属应提升为亚科分类阶元, 反嘴鹑不应独立成科, 应归为鹑科的一个下属分类单元。Spicer 和 Dunipace(2004)<sup>[37]</sup>用 16S rRNA 研究了雀形目 14 个科之间的系统关系, 对 DNA 杂交所得出的莺总科(Sylvioidea)为单系群的结论提出了质疑。雷忻等(2007)<sup>[38]</sup>通过 COI 基因的研究探讨了鹟亚科部分属间的进化关系, 认为鹟属为单系发生。由于单个基因序列提供的系统发育信息有限, 运用多个基因的序列进行系统发育树的构建越来越普遍, 如 Moum 等



Degree papers are in the "[Xiamen University Electronic Theses and Dissertations Database](#)". Full texts are available in the following ways:

1. If your library is a CALIS member libraries, please log on <http://etd.calis.edu.cn/> and submit requests online, or consult the interlibrary loan department in your library.
2. For users of non-CALIS member libraries, please mail to [etd@xmu.edu.cn](mailto:etd@xmu.edu.cn) for delivery details.

厦门大学博硕士论文摘要库